

CGCACGGCTCTTAACCGTGTGGTCGTGGGTTTCGAGCCCCACGG

CAATCGGCT--TAACCGATTGGTCGCAGGTTCTGAATCCTGCCT

CAGAGGACTGCAAATCCTTTA-TCCCCAGTTCAAATCTGGGTG

Multiple sequence alignment

((((((((.....)))))))..((((((.....))))))).. -20.2

((((((((.....)))))))..((((((.....))))))).. -16.3

.((((((.....)))))))..((((((.....))))))).. -11.7

((((((((.....)))))))..((((((.....))))))).. -18.9

RNAfold: single sequence MFEs

RNAalifold: Consensus MFE

$$\text{SCI} = \frac{\text{Consensus MFE}}{\text{Mean single MFEs}}$$